



18º SEMINÁRIO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA

Internacionalização da Ciência

De 07 a 09 de novembro de 2012



Ciências Biológicas

Código:2012774

Estudo proteômico das fases do desenvolvimento do fungo *Moniliophthora perniciosa* envolvidas na formação do basidioma crescido em bolachas.

Monaliza Átila de Jesus Sousa¹, Emily Caroline de Andrade Rosa², Dayane Santos Gomes³, Fabienne Micheli⁴

¹ Discente do curso de Ciências Biológicas DCB/UESC, e-mail: monalizaatila@gmail.com, ² Discente do curso de Biomedicina DCB/UESC, e-mail: eemillyy@hotmail.com, ³ Doutoranda do PPGBM/UESC, e-mail: daygenes@yahoo.com.br, ⁴ Docente do Curso de Ciências Biológicas DCB/UESC e Pesquisadora do Cirad (França), e-mail: fabienne.micheli@cirad.fr

O fungo *Moniliophthora perniciosa* pertence à ordem das Agaricales, e é o agente causador da vassoura-de-bruxa, doença que afeta os tecidos jovens do cacaueiro (*Theobroma cacao* L.). O *M. perniciosa* é um fungo hemibiotrófico, podendo atacar células vivas e também se desenvolver e reproduzir após a morte de tecidos infectados, contendo dois tipos de micélio, o biotrófico (fase em que o fungo se expande, iniciando a doença, e caracterizado por um micélio monocariótico) e o necrotrófico (período caracterizado por um micélio dicariótico levando à morte da planta). Durante a cultura de *M. perniciosa* em bolachas, seis diferentes fases de desenvolvimento foram observadas de acordo com a cor do micélio ou o órgão produzido: branco, amarelo, rosa, rosa escuro, primórdio e basidioma. No presente estudo foram identificadas proteínas envolvidas em cada fase do desenvolvimento do fungo, focando na formação do basidioma. As proteínas foram obtidas utilizando o método de ADP, seguido por uma extração utilizando fenol/SDS denso. A quantificação foi feita utilizando o Quantification 2-D kit (GE Healthcare). As proteínas foram obtidas em triplicadas e separadas utilizando um gel bi-dimensional (2-D) a 12%. Os mapas 2-D mostraram aproximadamente 300-550 spots por gel, e apresentam padrões de expressão diferenciais de proteínas. Os géis foram analisados utilizando o software ImageMaster 2D v.7; spots diferenciais foram identificados, cortado do gel e analisados por espectrometria de massa. Na análise em gel 2-D, foi possível detectar um total de 684 proteínas correspondentes às seis fases de desenvolvimento do fungo. Os 684 proteínas foram separadas em seis classes de acordo com sua distribuição em diferentes fases de desenvolvimento do fungo. Proteínas potencialmente envolvidas na formação do basidioma podem ser bons candidatos para a compreensão do modo de propagação do fungo. A identificação completa das proteínas relacionadas às diferentes fases do desenvolvimento do fungo *M. perniciosa* podem futuramente contribuir na elaboração de estratégias de controle da vassoura-de-bruxa.

Palavras-Chave: gel 2-D, espectrometria de massa, vassoura de bruxa..

Agência Financiadora: CNPq, BNB, FAPESB.